

CẢI TIẾN PHƯƠNG PHÁP ĐA HÌNH CHIỀU DÀI CẮT GIỚI HẠN ĐÍCH (TERMINAL RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM - T-RFLP) VÀ GIẢI MÃ TRÌNH TỰ GENE RRNA 16S SỬ DỤNG PHÂN LẬP CÁC CHỦNG VI KHUẨN TRÊN LỚP NHẢY VÂY CÁ

IMPROVING THE METHOD OF BACTERIAL COMMUNITY IDENTIFICATION BASED ON TERMINAL RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM (T-RFLP) AND SEQUENCING 16S RRNA ALIGNMENT ON OUTER FISH MUCUS LAYER

Tác giả: Nguyễn Thành Luân*, Phạm Văn Lộc, Katarina Mikac

Tóm tắt bằng tiếng Việt:

Việc đánh bắt cá bất hợp pháp gia tăng nhanh chóng từ các hoạt động đánh bắt không được kiểm soát gây ra mối lo ngại về sự tồn tại các loài cá. Nghiên cứu này hướng đến việc phân lập và định danh các chủng vi khuẩn tương tác với lớp nhày vây cá và xác định các sự khác biệt của các tiểu phần trong cấu trúc quần thể vi khuẩn tồn tại ở các khu vực khảo sát. Nghiên cứu khuếch đại và tối ưu hóa PCR, biểu hiện kỹ thuật t-RFLP được thực hiện. Cây phát sinh loài nhằm phân tích các mối quan hệ của 19 loài phân lập được với các cơ sở dữ liệu gen được xây dựng. Qua phân tích trình tự, các kết quả cho thấy sự nổi trội của loài *Vibrio* sp. trong quần thể vi khuẩn trên 4 khu vực khảo sát quanh vùng Illawarra, Úc. Việc sử dụng t-RFLP và RFLP dựa trên PCR được đề xuất cũng như xây dựng các đoạn mồi nhanh, an toàn, tiết kiệm và đặc hiệu hơn cho việc phát hiện và bảo vệ các loài thủy hải sản sau này

Từ khóa: Lớp nhày vây cá; Vibrio sp.; t-RFLP; kỹ thuật đa hình; giải mã trình tự DNA; PCR; rRNA 16S

Tóm tắt bằng tiếng Anh:

Illegal fishing is the leading loss of fish & fish habitat globally. The pressure of pressing profit for annual fishing market has grown rapidly from illegal and, unreported & unregulated fishing has been reported in an extreme threat for regional, local fisheries management & the sustainability of marine fisheries. This study aims at isolating & characterising bacterial communities associated with the outer mucus layer of fish and determines whether a spatial pattern of difference in bacterial community composition exists among sites where bacteria were collected. PCR procedure for amplification and optimisation and t-RFLP performance were proceeded. The phylogenetic tree was built to analyse the relationship of nineteen species in biological databases. By performing DNA sequencing, the results had shown the dominance of *Vibrio* sp. in the presence of bacterial community in four observed creeks surround Illawarra region. It is recommended that a need for the improvement of better profiling techniques in building some quicker, safer, cheaper & more specific markers, primers to protecting marine species afterwards could be developed.

Key words: Fish mucus layer; Vibrio sp.; t-RFLP; Polymorphism; DNA sequencing; PCR; rRNA 16S